

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problems Mailbox.**

THIS PAGE BLANK (USPTO)

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/12, C07K 14/51, 14/495, A61K 38/18, C07K 16/22		A1	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 95/04819
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. Februar 1995 (16.02.95)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP94/02630		(81) Bestimmungsstaaten: AU, BY, CA, CN, CZ, HU, JP, KR, LT, NZ, RU, SI, UA, VN, europäisches Patent (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 9. August 1994 (09.08.94)			
(30) Prioritätsdaten: P 43 26 829.3 10. August 1993 (10.08.93) DE P 44 18 222.8 25. Mai 1994 (25.05.94) DE P 44 20 157.5 9. Juni 1994 (09.06.94) DE		Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht. Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche zugelassenen Frist. Veröffentlichung wird wiederholt falls Änderungen eintreffen.</i>	
(71) Anmelder: BIOPHARM GESELLSCHAFT ZUR BIOTECHNOLOGISCHEN ENTWICKLUNG VON PHARMAKA MBH [DE/DE]; Czernyring 22, D-69115 Heidelberg (DE).			
(72) Erfinder: HÖTTEN, Gertrud; Weihwiesenweg 17, D-69245 Bammental (DE). NEIDHARDT, Helge; Birkenweg 7, D-35041 Marburg (DE). PAULISTA, Michael; Wingertstrasse 10, D-69181 Leimen (DE).			
(74) Anwälte: WEICKMANN, H. usw.; Kopernikusstrasse 9, D-81679 München (DE).			
(54) Title: NEW GROWTH/DIFFERENTIATION FACTOR OF THE TGF- β FAMILY			
(54) Bezeichnung: NEUER WACHSTUMS-/DIFFERENZIERUNGSFAKTOR DER TGF- β -FAMILIE			
(57) Abstract <p>A protein of the TGF-β family is disclosed, as well as the DNA that codes for this protein and a pharmaceutical composition containing this protein.</p>			
(57) Zusammenfassung <p>Die Erfindung betrifft ein Protein der TGF-β-Familie, die dafür codierende DNA und eine das Protein enthaltende pharmazeutische Zusammensetzung.</p>			

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AT	Österreich	GA	Gabon	MR	Mauretanien
AU	Australien	GB	Vereinigtes Königreich	MW	Malawi
BB	Barbados	GE	Georgien	NE	Niger
BE	Belgien	GN	Guinea	NL	Niederlande
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	NO	Norwegen
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	NZ	Neuseeland
BJ	Benin	IE	Irland	PL	Polen
BR	Brasilien	IT	Italien	PT	Portugal
BY	Belarus	JP	Japan	RO	Rumänien
CA	Kanada	KE	Kenya	RU	Russische Föderation
CF	Zentrale Afrikanische Republik	KG	Kirgisistan	SD	Sudan
CG	Kongo	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	SE	Schweden
CH	Schweiz	KR	Republik Korea	SI	Slowenien
CI	Côte d'Ivoire	KZ	Kasachstan	SK	Slowakei
CM	Kamerun	LI	Liechtenstein	SN	Senegal
CN	China	LK	Sri Lanka	TD	Tschad
CS	Tschechoslowakei	LU	Luxemburg	TG	Togo
CZ	Tschechische Republik	LV	Lettland	TJ	Tadschikistan
DE	Deutschland	MC	Monaco	TT	Trinidad und Tobago
DK	Dänemark	MD	Republik Moldau	UA	Ukraine
ES	Spanien	MG	Madagaskar	US	Vereinigte Staaten von Amerika
FI	Finnland	ML	Mali	UZ	Usbekistan
FR	Frankreich	MN	Mongolei	VN	Vietnam

- 1 -

BESCHREIBUNG

Neuer Wachstums-/Differenzierungsfaktor der
TGF- β -Familie

Die vorliegende Erfindung betrifft einen neuen Wachstums/Differenzierungsfaktor der TGF- β -Familie und dafür codierende DNA-Sequenzen.

Die TGF- β -Familie von Wachstumsfaktoren, zu der BMP-, TGF- und Inhibin-verwandte Proteine gehören (Roberts und Sporn, Handbook of Experimental Pharmacology 95 (1990), 419-472) ist besonders für einen weiten Bereich medizinischer Behandlungsmethoden und Anwendungen relevant. Diese Faktoren eignen sich in Verfahren, welche die Wundheilung und die Gewebewiederherstellung betreffen. Weiterhin induzieren mehrere Mitglieder der TGF- β -Familie das Gewebewachstum, insbesondere das Wachstum von Knochen und spielen daher eine zentrale Rolle bei der Induzierung der Entwicklung von Knorpeln und Knochen.

Wozney (Progress in Growth Factor Research 1 (1989), 267-280) und Vale et al. (Handbook of Experimental Pharmacology 95 (1990), 211-248) beschreiben verschiedene Wachstumsfaktoren, wie etwa diejenigen, die mit der BMP- (knochenmorphogenetische Proteine) und der Inhibin-Gruppe verwandt sind. Die Mitglieder dieser Gruppen weisen signifikante strukturelle Ähnlichkeiten auf. Der Vorläufer des Proteins besteht aus einer aminoterminalen Signalsequenz, einer Propeptid- und einer carboxyterminalen Sequenz von etwa 110 Aminosäuren, die vom Vorläufer abgespalten wird und das reife Protein darstellt. Weiterhin sind ihre Mitglieder durch eine Aminosäuresequenz-homologie definiert. Das reife Protein enthält die am höchsten konservierten Sequenzen, insbesondere sieben Cysteinreste, die unter den Familienmitgliedern konserviert sind. Die TGF- β -artigen Proteine sind multifunktionelle, hormonell aktive Wachstumsfaktoren. Sie weisen auch verwandte biologische Aktivitäten, wie etwa chemotaktische Attraktion von Zellen, Förderung der Zelldifferenzierung und Gewebe-induzie-

- 2 -

rende Fähigkeiten, wie etwa Knorpel-, Knochen-induzierende Fähigkeiten auf. Das US-Patent Nr. 5,013,649 offenbart DNA-Sequenzen, die für osteoinduktive, als BMP-2 bezeichnete Proteine codieren, und die US-Patentanmeldungen Serien Nr. 179 101 und 170 197 offenbaren die BMP-Proteine BMP-1 und BMP-3. Weiterhin sind viele Zelltypen zur Synthese TGF- β -artiger Proteine in der Lage, und praktisch alle Zellen besitzen TGF- β -Rezeptoren.

Insgesamt zeigen diese Proteine Unterschiede in ihrer Struktur, was zu erheblichen Variationen in ihrer genauen biologischen Funktion führt. Weiterhin werden sie in einem weiten Bereich unterschiedlicher Gewebearten und Entwicklungsstufen gefunden. Folglich können sie Unterschiede hinsichtlich ihrer genauen Funktion, z.B. der erforderlichen zellulären physiologischen Umgebung, ihrer Lebensdauer, ihrer Zielorte, ihrer Erfordernisse für Hilfsfaktoren und ihrer Beständigkeit gegen Abbau aufweisen. Obwohl daher zahlreiche Proteine, die ein Gewebe-induktives, insbesondere ein osteo-induktives Potential zeigen, beschrieben werden, müssen ihre natürlichen Aufgaben im Organismus und - noch bedeutsamer - ihre medizinische Relevanz im Detail noch erforscht werden. Das Vorhandensein von noch unbekannten Mitgliedern der TGF- β -Familie, die für die Osteogenese oder die Differenzierung/Induktion von anderen Gewebearten bedeutsam sind, wird mit großer Wahrscheinlichkeit angenommen. Eine große Schwierigkeit bei der Isolierung dieser neuen TGF- β -artigen Proteine besteht jedoch darin, daß ihre Funktionen noch nicht genau genug für die Entwicklung eines unterscheidungskräftigen Bioassays beschrieben werden können. Andererseits ist die erwartete Nukleotidsequenzhomologie zu bekannten Mitgliedern der Familie zu gering, um ein Screening durch klassische Nukleinsäurehybridisierungstechniken zu ermöglichen. Dennoch ist die weitere Isolierung und Charakterisierung von neuen TGF- β -artigen Proteinen dringend erforderlich, um weitere Induzierungs- und Differenzierungsproteine bereitzustellen, die alle gewünschten medizinischen Erfordernisse erfüllen. Diese

- 3 -

Faktoren könnten medizinische Anwendung bei der Heilung von Schäden und der Behandlung von degenerativen Erkrankungen der Knochen und/oder anderen Gewebearten, wie etwa z.B. Niere oder Leber, finden.

In der Patentanmeldung PCT/EP93/00350 ist eine Nukleotid- und Aminosäuresequenz für das TGF- β -Protein MP-52 angegeben, wobei die dem reifen Peptid entsprechende Sequenz und ein Großteil der dem Propeptid von MP-52 entsprechenden Sequenz angegeben ist. Die vollständige Sequenz des Propeptids MP-52 wird nicht offenbart.

Die der vorliegenden Erfindung zugrundeliegende Aufgabe besteht darin, DNA-Sequenzen bereitzustellen, die für neue Mitglieder der TGF- β -Proteinfamilie mit mitogenem und/oder differenzierungs-induktiven, z.B. osteo-induktivem Potential codieren. Insbesondere besteht die Aufgabe der vorliegenden Erfindung darin, die vollständige DNA- und Aminosäuresequenz des TGF-Proteins MP-52 bereitzustellen.

Diese Aufgabe wird gelöst durch ein DNA-Molekül, das für ein Protein der TGF- β -Familie codiert und

- (a) den für das reife Protein codierenden Anteil und gegebenenfalls weitere funktionelle Anteile der in SEQ ID NO. 1 gezeigten Nukleotidsequenz,
 - (b) eine der Sequenz aus (a) im Rahmen der Degeneration des genetischen Codes entsprechende Nukleotidsequenz,
 - (c) einem allelischen Derivat einer der Sequenzen aus (a) und (b) entsprechende Nukleotidsequenz, oder
 - (d) eine mit einer der Sequenzen aus (a), (b) oder (c) hybridisierende Sequenz umfaßt
- unter der Voraussetzung, daß ein DNA-Molekül gemäß (d) zumindest den für ein reifes Protein der TGF- β -Familie codierenden Anteil enthält.

Weitere Ausführungsformen der vorliegenden Erfindung betreffen den Gegenstand der Ansprüche 2 bis 10. Andere Merkmale

und Vorteile der Erfindung gehen aus der Beschreibung der bevorzugten Ausführungsformen und den Zeichnungen hervor. Die Sequenzprotokolle und Zeichnungen werden jetzt kurz beschrieben.

SEQ ID NO.1 zeigt die vollständige Nukleotidsequenz der für das TGF- β -Protein MP-52 codierenden DNA. Das ATG-Startcodon beginnt mit Nukleotid 640. Der Start des reifen Proteins beginnt hinter Nukleotid 1782.

SEQ ID NO.2 zeigt die vollständige Aminosäuresequenz des TGF- β -Proteins MP-52, die aus der in SEQ ID NO.1 gezeigten Nukleotidsequenz abgeleitet wurde.

Figur 1 zeigt einen Vergleich der Aminosäuresequenz von MP-52 mit einigen Mitgliedern der BMP-Proteinfamilie mit Beginn am ersten der sieben konservierten Cysteinreste. * bedeutet, daß die Aminosäure in allen verglichenen Proteinen gleich ist; + bedeutet, daß die Aminosäure in mindestens einem der Proteine im Vergleich zu MP-52 übereinstimmt.

Figur 2 zeigt die Nukleotidsequenzen der Oligonukleotidprimer, die in der vorliegenden Erfindung verwendet wurden, und einen Vergleich dieser Sequenzen mit bekannten Mitgliedern der TGF- β -Familie. M bedeutet A oder C, S bedeutet C oder G, R bedeutet A oder G und K bedeutet G oder T. 2a zeigt die Sequenz des Primers OD, 2b zeigt die Sequenz des Primers OID.

Die vorliegende Erfindung umfaßt zumindest den für das reife Protein codierenden Anteil und gegebenenfalls weitere funktionelle Anteile der in SEQ ID NO.1 gezeigten Nukleotidsequenz sowie Sequenzen, die dieser Sequenz im Rahmen der Degeneration des genetischen Codes entsprechen und allelische Derivate solcher Sequenzen. Weiterhin umfaßt die vorliegende Erfindung auch mit derartigen Sequenzen hybridisierende Sequenzen unter der Voraussetzung, daß ein solches DNA-Mole-

- 5 -

kül zumindest den für ein reifes Protein der TGF- β -Familie codierenden Anteil vollständig enthält.

Der Begriff "funktioneller Anteil" im Sinne der vorliegenden Erfindung bedeutet einen Proteinanteil, der in der Lage ist, z.B. als Signalpeptid-, Propeptid- bzw. reifer Proteinanteil zu wirken, d.h. mindestens eine der biologischen Funktionen der natürlichen Proteinanteile von MP-52 zu erfüllen.

Der für den reifen Anteil des Proteins codierende Bereich reicht von den Nukleotiden 1783 - 2142 der in SEQ ID NO. 1 gezeigten Sequenz. Gegebenenfalls kann das DNA-Molekül noch weitere funktionelle Anteile der in SEQ ID NO. 1 gezeigten Sequenz umfassen, nämlich die für den Signal- oder/und Propeptidanteil codierenden Nukleotidsequenzen. Besonders bevorzugt umfaßt das DNA-Molekül die Sequenz für den Signal- und den Propeptidanteil und den Anteil des reifen Proteins, d.h. die Nukleotide 640-2142 der in SEQ ID NO.1 gezeigten Sequenz. Andererseits kann das DNA-Molekül neben dem für das reife Protein codierenden Anteil auch noch funktionelle Signal- oder/und Propeptidanteile von anderen Proteinen, insbesondere von anderen Proteinen der TGF- β -Familie, z.B. den oben genannten BMP-Proteinen, umfassen. Die entsprechenden Nukleotidsequenzen sind aus den oben genannten Referenzen zu entnehmen, auf deren Offenbarung hiermit Bezug genommen wird.

Weiterhin umfaßt die vorliegende Erfindung auch ein DNA-Molekül wie oben definiert, das zusätzlich zwischen den Nukleotiden 1270 und 1271 der in SEQ ID NO. 1 gezeigten Sequenz eine nicht-codierende Intronsequenz enthält. Diese Intronsequenz ist in dem bei DSM hinterlegten Plasmid SKL 52 (H3) MP12 enthalten, das die genomische Nukleinsäuresequenz von MP-52 aufweist.

Auch von der Erfindung umfaßt ist die vom Phagen λ 15.1 codierte cDNA-Sequenz des MP-52 Proteins. Diese Sequenz beginnt mit Nukleotid 321 von SEQ ID NO. 1.

- 6 -

Obwohl die allelischen, degenerierten und hybridisierenden Sequenzen, die von der vorliegenden Erfindung umfaßt werden, strukturelle Unterschiede aufgrund geringfügiger Änderungen in der Nukleotid- oder/und Aminosäuresequenz aufweisen, besitzen die von derartigen Sequenzen codierten Proteine noch im wesentlichen die gleichen nützlichen Eigenschaften, die ihren Einsatz in grundsätzlich den gleichen medizinischen Anwendungen ermöglichen.

Gemäß vorliegender Erfindung bedeutet die Bezeichnung "Hybridisierung" übliche Hybridisierungsbedingungen, vorzugsweise Bedingungen mit einer Salzkonzentration von 6 x SSC bei 62 bis 66°C, gefolgt von einem einstündigen Waschen mit 0,6 x SSC, 0,1 % SDS bei 62° bis 66°C. Besonders bevorzugt betrifft die Bezeichnung "Hybridisierung" stringente Hybridisierungsbedingungen mit einer Salzkonzentration von 4 x SSC bei 62 bis 66°C, gefolgt von einem einstündigen Waschen mit 0,1 x SSC, 0,1 % SDS bei 62 bis 66°C.

Bevorzugte Ausführungsformen der vorliegenden Erfindung sind DNA-Sequenzen, wie oben definiert, die aus Wirbeltieren, vorzugsweise Säugern, wie etwa Schweinen, Kühen und Nagern, wie etwa Ratten oder Mäusen, und insbesondere von Primaten, wie etwa Menschen, erhältlich sind.

Eine besonders bevorzugte Ausführungsform der vorliegenden Erfindung ist die in SEQ ID NO. 1 gezeigte und als MP-52 bezeichnete Sequenz. Die Transkripte von MP-52 wurden aus embryonalem Gewebe erhalten und codieren für ein Protein, das eine beträchtliche Aminosäurehomologie zum reifen Teil der BMP-artigen Proteine zeigt (siehe Fig. 1). Die Proteinsequenzen von BMP2 (= BMP2A) und BMP4 (= BMP2B) sind bei Wozney et al., Science 242 (1988), 1528-1534 beschrieben. Die entsprechenden Sequenzen von BMP5, BMP6 und BMP7 sind bei Celeste et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87 (1990), 9843-9847 beschrieben. Einige typische Sequenzhomologien, die für bekannte BMP-Sequenzen spezifisch sind, wurden auch im Propep-

- 7 -

tidteil von MP-52 gefunden, während andere Teile des Precursor-
sorteils von MP-52 erhebliche Unterschiede zu BMP-Precursoren
zeigen.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein
Vektor, der mindestens eine Kopie eines erfindungsgemäßen
DNA-Moleküls enthält. In einem derartigen Vektor ist die
erfindungsgemäße DNA-Sequenz vorzugsweise operativ mit einer
Expressionskontrollsequenz verknüpft. Solche Vektoren eignen
sich zur Herstellung von TGF- β -artigen Proteinen in stabil-
oder transient-transformierten Zellen. Verschiedene Tier-,
Pflanzen-, Pilz- und Bakteriensysteme können zur Transforma-
tion und die anschließende Kultivierung verwendet werden.
Vorzugsweise enthalten die erfindungsgemäßen Vektoren für die
Replikation in der Wirtszelle notwendige Sequenzen und sind
autonom replizierbar. Weiterhin ist die Verwendung von Vekto-
ren bevorzugt, die selektierbare Markergene enthalten, wo-
durch die Transformation einer Wirtszelle nachweisbar ist.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist eine Wirtszelle,
die mit einer erfindungsgemäßen DNA oder einem erfindungs-
gemäßen Vektor transformiert ist. Beispiele von geeigneten
Wirtszellen umfassen verschiedene eukaryontische und prokary-
ontische Zellen, wie etwa E.coli, Insektenzellen, Pflanzen-
zellen, Säugerzellen und Pilze, wie etwa Hefe.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Protein der
TGF- β -Familie, das von einer DNA-Sequenz nach Anspruch 1
codiert wird. Vorzugsweise weist das erfindungsgemäße Protein
die in SEQ ID NO.2 gezeigte Aminosäuresequenz oder gegebenen-
falls funktionelle Anteile davon auf und zeigt biologische
Eigenschaften, wie etwa Gewebe-induktive, insbesondere osteo-
induktive oder/und mitogene Fähigkeiten, die möglicherweise
für eine therapeutische Anwendung relevant sind. Die oben
genannten Merkmale des Proteins können abhängig von der
Bildung von Homodimeren oder Heterodimeren variieren. Solche

Strukturen können sich ebenfalls für klinische Anwendungen geeignet erweisen.

Die biologischen Eigenschaften der erfindungsgemäßen Proteine, insbesondere das mitogene und osteo-induktive Potential, können z.B. in Assays gemäß Seyedin et al., PNAS 82 (1985), 2267-2271 oder Sampath und Reddi, PNAS 78 (1981), 7599-7603 bestimmt werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung eines Proteins der TGF- β -Familie, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß man eine mit einer erfindungsgemäßen DNA oder einem erfindungsgemäßen Vektor transformierte Wirtszelle kultiviert und das TGF- β -Protein aus der Zelle oder/und dem Kulturüberstand gewinnt. Ein solches Verfahren umfaßt die Kultivierung der transformierten Wirtszelle in einem geeigneten Kulturmedium und die Reinigung des erzeugten TGF- β -artigen Proteins. Auf diese Weise ermöglicht das Verfahren die Herstellung einer ausreichenden Menge des gewünschten Proteins zum Einsatz bei der medizinischen Behandlung oder in Anwendungen unter Verwendung von Zellkulturtechniken, bei denen Wachstumsfaktoren benötigt werden. Die Wirtszelle kann ein Bakterium, wie etwa Bacillus oder E.coli, ein Pilz, wie etwa Hefe, eine Pflanzenzelle, wie etwa Tabak, Kartoffel oder Arabidopsis oder eine tierische Zelle, insbesondere eine Wirbeltierzelllinie, wie etwa Mo-, COS- oder CHO-Zelllinien oder eine Insektenzelllinie sein.

Noch ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Bereitstellung von pharmazeutischen Zusammensetzungen, die eine pharmazeutisch wirksame Menge eines erfindungsgemäßen TGF- β -artigen Proteins als Wirkstoff enthalten. Gegebenenfalls umfaßt eine solche Zusammensetzung einen pharmazeutisch akzeptablen Träger-, Hilfs-, Verdünnungs- oder Füllstoff. Eine solche pharmazeutische Zusammensetzung kann bei der Wundheilung und Gewebewiederherstellung sowie bei der Heilung von Knochen-, Knorpel-, Bindegewebs-, Haut-, Schleim-

- 9 -

haut-, Epithelial- oder Zahnschädigungen und bei Zahnimplantaten entweder alleine oder in Kombination mit anderen Wirkstoffen, z.B. anderen Proteinen der TGF- β -Familie oder Wachstumsfaktoren, wie etwa EGF (epidermal growth factor) oder PDGF (platelet derived growth factor) verwendet werden. Ferner kann eine solche pharmazeutische Zusammensetzung bei der Krankheitsprävention, wie z.B. zur Prävention von Osteoporose und Arthrose verwendet werden.

Eine andere mögliche klinische Anwendung des erfindungsgemäßen TGF- β -artigen Proteins ist die Verwendung als Suppressor der Immunreaktion zur Vermeidung der Abstoßung von Organtransplantaten oder ein Einsatz im Zusammenhang mit der Angiogenese. Die erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzung kann auch prophylaktisch oder in der kosmetischen Chirurgie verwendet werden. Weiterhin ist die Anwendung der Zusammensetzung nicht auf Menschen beschränkt, sondern kann auch Tiere, insbesondere Haustiere umfassen.

Schließlich ist ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ein Antikörper, der spezifisch an die erfindungsgemäßen Proteine binden kann, oder ein derartiges Antikörperfragment (z.B. Fab oder Fab'). Verfahren zur Herstellung eines solchen spezifischen Antikörpers oder Antikörperfragments gehören zum allgemeinen Fachwissen des Durchschnittsfachmanns. Vorzugsweise ist ein solcher Antikörper ein monoklonaler Antikörper. Solche Antikörper oder Antikörperfragmente könnten sich auch für diagnostische Methoden eignen.

Weiterhin soll die Erfindung durch das folgende Beispiel veranschaulicht werden.

Beispiel 1

Isolierung von MP-52

1.1 Gesamt-RNA wurde aus menschlichem Embryonalgewebe (8 bis 9 Wochen alt) nach der Methode von Chirgwin et al.,

Biochemistry 18 (1979), 5294-5299 isoliert. Poly(A⁺)-RNA wurde aus der Gesamt-RNA durch Oligo (dT)-Chromatographie gemäß den Vorschriften des Herstellers (Stratagene Poly (A) Quick-Säulen) abgetrennt.

- 1.2 Für die reverse Transkriptionsreaktion wurden 1 bis 2,5 µg Poly (A⁺)-RNA für 5 Minuten auf 65°C erhitzt und schnell auf Eis abgekühlt. Das Reaktionsgemisch enthielt 27 U RNA-Guard (Pharmacia), 2,5 µg Oligo (dT)₁₂₋₁₈ (Pharmacia), 5 x Puffer (250 mmol/l Tris/HCl pH 8,5, 50 mmol/l MgCl₂, 50 mmol/l DTT, 5 mmol/l von jedem dNTP, 600 mmol/l KCl) und 20 U AMV reverse Transkriptase (Boehringer Mannheim) pro µg Poly (A⁺) RNA. Das Reaktionsgemisch (25 µl) wurde 2 Stunden lang bei 42°C inkubiert.
- 1.3 Die in Fig. 2 gezeigten Deoxynukleotidprimer OD und OID wurden auf einem automatischen DNA-Synthesizer (Bio-search) hergestellt. Die Reinigung erfolgte durch denaturierende Polyacrylamidgelelektrophorese und Isolierung der Hauptbande aus dem Gel durch Isotachophorese. Die Oligonukleotide wurden durch Vergleich der Nukleinsäuresequenzen von bekannten Mitgliedern der TGF-β-Familie und Auswahl von Regionen mit der höchsten Konservierung entworfen. Ein Vergleich dieser Region ist in Fig. 2 gezeigt. Zur Erleichterung der Klonierung enthielten beide Nukleotide EcoRI-Restriktionsstellen und OD enthielt zusätzlich eine NcoI-Restriktionsstelle an seinem 5'-Terminus.
- 1.4 Bei der PCR-Reaktion wurde 20 ng Poly (A⁺) RNA entsprechende cDNA aus Ausgangsmaterial verwendet. Die Reaktion wurde in einem Volumen von 50 µl durchgeführt und enthielt 1 x PCR-Puffer (16,6 mmol/l (NH₄)₂SO₄, 67 mmol/l Tris/HCl pH 8,8, 2 mmol/l MgCl₂, 6,7 µmol/l EDTA, 10 mmol/l β-Mercaptoethanol, 170 µg/ml Rinderserumalbumin (Gibco), 200 µmol/l von jedem dNTP (Pharmacia), 30 pmol

- 11 -

von jedem Oligonukleotid (OD und OID) und 1,5 U Taq-Polymerase (AmpliTag, Perkin Elmer Cetus). Das Reaktionsgemisch wurde mit Paraffin überschichtet und es wurden 40 PCR-Zyklen durchgeführt. Die Produkte der PCR-Reaktion wurden durch Phenol/Chloroform-Extraktion gereinigt und durch Ethanolpräzipitation konzentriert.

- 1.5 Das PCR-Reaktionsprodukt wurde mit den Restriktionsenzymen SphI (Pharmacia) und AlwNI (Biolabs) entsprechend den Vorschriften des Herstellers gespalten.
- 1.6 Die Produkte der Restriktionsspaltung wurden durch Agarosegelelektrophorese fraktioniert. Nach Anfärbung mit Ethidiumbromid wurden nicht gespaltene Amplifizierungsprodukte aus dem Gel herausgeschnitten und durch Phenolextraktion isoliert. Die erhaltene DNA wurde anschließend zweimal durch Phenol/Chloroform-Extraktion gereinigt.
- 1.7 Nach einer Ethanolpräzipitation wurde ein Viertel oder ein Fünftel der isolierten DNA reamplifiziert, wobei die gleichen Bedingungen wie für die primäre Amplifikation verwendet wurden, außer daß die Anzahl der Zyklen auf 13 verringert wurde. Die Reamplifizierungsprodukte wurden gereinigt, mit den gleichen Enzymen wie oben geschnitten und die ungeschnittenen Produkte wurden, wie oben für die Amplifizierungsprodukte erläutert, aus Agarosegelen isoliert. Der Reamplifizierungsschritt wurde zweimal wiederholt.
- 1.8 Nach der letzten Isolierung aus dem Gel wurden die Amplifizierungsprodukte durch 4 U EcoRI (Pharmacia) unter den vom Hersteller empfohlenen Bedingungen gespalten. Ein Viertel des Restriktionsgemisches wurde in den mit EcoRI gespaltenen Vektor pBluescriptII SK+ (Stratagene) ligiert. Nach Ligierung wurden 24 Klone durch Sequenzierung weiter analysiert. Die mit AlwNI und SphI

- 12 -

gespaltene Probe ergab eine neue Sequenz, die als MP-52 bezeichnet wurde. Die anderen Klone enthielten überwiegend BMP6-Sequenzen und einer enthielt eine BMP7-Sequenz.

Der Klon wurde zum 3'-Ende der cDNA nach der ausführlich von Frohmann (Amplifications, veröffentlicht von Perkin-Elmer Corp., Issue 5 (1990), pp 11-15) beschriebenen Methode vervollständigt. Die gleiche embryonale mRNA, die zur Isolierung des ersten Fragments von MP-52 verwendet worden war, wurde, wie oben beschrieben, revers transkribiert. Die Amplifizierung erfolgte unter Verwendung des Adapterprimers (AGAATTCGCATGCCATGGTCGACG) und eines inneren Primers (CTTGAGTACGAGGCTTTCCACTG) der MP-52-Sequenz. Die Amplifizierungsprodukte wurden unter Verwendung eines überlappenden Adapterprimers (ATTCGCATGCCATGGTCGACGAAG) und eines überlappenden internen Primers (GGAGCCCACGAATCATGCAGTCA) der MP-52-Sequenz reamplifiziert. Die Reamplifizierungsprodukte wurden nach Restriktionsspaltung mit NcoI in einen auf gleiche Weise gespaltenen Vektor (pUC 19 (Pharmacia Nr. 27-4951--01) mit einer geänderten multiplen Klonierungsstelle, die eine singuläre NcoI-Restriktionsstelle enthält) kloniert und sequenziert. Die Klone wurden durch ihre Sequenzüberlappung am 3'-Ende der bekannten MP-52-Sequenz charakterisiert. Einer davon wurde als Sonde zum Screening einer humanen genomischen Genbank (Stratagene Nr. 946203) nach einer ausführlich bei Ausubel et al. (Current Protocols in Molecular Biology, veröffentlicht von Greene Publishing Associates und Wiley-Interscience (1989)) beschriebenen Methode verwendet. Aus 8×10^5 λ Phagen wurde ein Phage (λ 2.7.4) isoliert, der eine Insertion von etwa 20 kb enthielt, und bei DSM unter der Hinterlegungsnummer 7387 hinterlegt. Dieser Klon enthält neben der aus mRNA durch die beschriebenen Amplifizierungsmethoden isolierte Sequenz weitere Sequenzinformationen am 5'-Ende.

- 13 -

Zur Sequenzanalyse wurde ein HindIII-Fragment von etwa 7,5 kb in einen auf gleiche Weise geschnittenen Vektor (Bluescript SK, Stratagene Nr. 212206) subkloniert. Dieses als SKL 52 (H3) MP12 bezeichnete Plasmid wurde ebenfalls bei DSM unter der Hinterlegungsnummer 7353 hinterlegt. Die in SEQ ID NO. 1 gezeigte Sequenzinformation stammt von dem Phagen λ 2.7.4.. Das ATG an Position 640 ist das erste ATG innerhalb des Leserahmens (bei Position 403 tritt ein Stoppkodon auf). Aufgrund der Sequenzdaten ist zu vermuten, daß es sich hierbei um das Startkodon für die Translation handelt.

Die genomische DNA enthält ein Intron von etwa 2 kb zwischen den Basenpaaren 1270 und 1271 von SEQ ID NO. 1. Die Sequenz des Introns ist nicht gezeigt. Die Richtigkeit der Splice-stelle wurde durch Sequenzierung eines Amplifizierungsprodukts bestätigt, das aus einer diese Region enthaltenden cDNA stammt. Diese Sequenzinformationen wurden mit Hilfe einer leicht modifizierten Methode erhalten, die ausführlich bei Frohman (Amplifications, veröffentlicht von Perkin-Elmer Corporation, Issue 5 (1990), pp 11-15) beschrieben ist. Es wurde die gleiche embryonale RNA, die auch zur Isolierung des 3'-Endes von MP-52 verwendet wurde, unter Einsatz eines internen, in 5'-Richtung orientierten Primers der MP-52-Sequenz (ACAGCAGGTGGGTGGTGTGGACT) revers transkribiert. Ein PolyA-Schwanz wurde an das 5'-Ende des ersten cDNA-Strangs unter Verwendung terminaler Transferase angefügt. Es wurde eine 2-Schritt-Amplifizierung durchgeführt, zuerst durch Verwendung eines aus Oligo dT und einer Adaptersequenz bestehenden Primers (AGAATTCGCATGCCATGGTCGACGAAGC(T16)) und zweitens eines Adapterprimers (AGAATTCGCATGCCATGGTCGACG) und eines internen Primers (CCAGCAGCCCATCCTTCTCC) der MP-52-Sequenz durchgeführt. Die Amplifizierungsprodukte wurden unter Verwendung des gleichen Adapterprimers und eines überlappenden internen Primers (TCCAGGGCACTAATGTCAAACACG) der MP-52-Sequenz reamplifiziert. Anschließend wurden die Reamplifizierungsprodukte unter Verwendung eines überlappenden Adapterprimers (ATTCGCATGCCATGGTCGACGAAG) und eines über-

- 14 -

lappenden internen Primers (ACTAATGTCAAACACGTACCTCTG) der MP-52-Sequenz reamplifiziert. Die Reamplifizierungsendprodukte wurden mit glatten Enden in einen Vektor (Bluescript SK, Stratagene Nr. 212206) kloniert, der mit EcoRV gespalten war. Die Klone wurden durch ihre Sequenzüberlappung mit der DNA von λ 2.7.4. charakterisiert.

Weiterhin wurde eine cDNA-Bank, hergestellt aus RNA von humanen Fibroblasten und kloniert in λ gt10, gescreent. Dabei wurden 2×10^6 Phagen getestet, wobei als radioaktive Sonde ein ca. 1 kb großes Fragment der genomischen MP-52-DNA (2. Exon bis zur HindIII-Restriktionsstelle im 3'-untranslatierten Bereich) diente. Es wurden 17 Mischplaques gepickt, die mit PCR unter Verwendung von Primern aus dem 5'- und 3'-Bereich der MP-52-Sequenz überprüft wurden. Daraufhin wurden 8 Phagenplaques ausgewählt und vereinzelt. Die cDNA wurde über eine EcoRI-Partialspaltung aus dem Phagen isoliert und in den ebenfalls mit EcoRI gespaltenen Bluescriptvektor kloniert.

Eine Sequenzierung eines der resultierenden Plasmide SK52L15.1MP25, zeigte, daß der längste Phage (15.1) bei Nukleotid Nr. 321 von SEQ ID NO. 1 beginnt. Weiterhin wurde durch das Sequenzieren die Splicestelle (Nukleotid 1270) bestätigt.

Das Plasmid SKL 52 (H3) MP12 wurde unter der Hinterlegungsnummer 7353 bei DSM (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Mascheroder Weg 1b, 38124 Braunschweig) am 10. Dezember 1992 hinterlegt.

Der Phage λ 2.7.4 wurde unter der Hinterlegungsnummer 7387 bei DSM am 13. Januar 1993 hinterlegt.

Der Plasmid SK52L15.1MP25 wurde unter der Hinterlegungsnummer 8421 bei DSM am 16. Juli 1993 hinterlegt.

Beispiel 2

Expression von MP52

Für die Expression von MP52 wurden verschiedene Systeme getestet. Die Verwendung von Vaccinia Viren als Expressionssystem ist ausführlich und für den Fachmann nacharbeitbar in den Current Protocols in Molecular Biology (Ausubel et al., Greene Publishing Associates and Wiley-Interscience, Wiley & Sons) im folgenden abgekürzt mit CP unter Chapter 16 Unit 16.15-16.18 beschrieben. Das System beruht darauf, daß Fremd-DNA unter Verwendung bestimmter Vektoren durch homologe Rekombination in das Vaccinia Virus Genom integriert werden kann. Zu diesem Zweck enthält der verwendete Vektor das TK (Thymidinkinase)-Gen aus dem Vaccinia Genom. Um eine Selektion auf rekombinante Viren zu ermöglichen, enthält der Vektor weiterhin das E.coli-Xanthin-Guanin-Phosphoribosyl-Transferase-Gen (gpt) (Falkner et al., J. Virol. 62 (1988), 1849-1854). In diesen Vektor wurde die cDNA mit dem gesamten codierenden Bereich für MP52 kloniert. Die cDNA kommt aus dem Plasmid SK52L15.1MP25 (DSM, Hinterlegungsnummer 8421), welche zur Entfernung eines großen Teils des 5'-nicht translatierten Bereichs aber zunächst deletiert und zwischenkloniert wurde. Dazu wurde das Plasmid SK52L15.1MP25 mit SalI linearisiert und stufenweise das 5'-Ende mit dem ExoIII/Mung Bean Kit (Stratagene #200330) nach Herstellerangaben deletiert. Nach Restriktion mit BamHI wurden die unterschiedlich weit deletierten MP52 cDNAs über ein Agarosegel von dem Restvektor getrennt, isoliert und nach Standardmethoden (Sambrook et al., Molecular Cloning, second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press 1989) in einem mit EcoRV und BamHI restrinktierten pBluescriptII SK- Vektor (Stratagene #212206) zwischenkloniert (pSK52s). Sämtliche Restriktionen erfolgten nach Herstellerangaben. Ansequenzierung mit Sequenase (USB/Amersham #70770) ergab unter anderem einen Klon, der mit Nukleotid 576 in SEQ ID NO.1 (64 Basenpaare vom Startcodon entfernt) beginnt. Aus diesem wurde über SalI und SacI Restriktion das cDNA-Insert isoliert und in den ebenso gespal-

- 16 -

tenen Vektor für die Rekombination in Vaccinia kloniert. Das resultierende Plasmid (pBP1MP52s) wurde bei der DSM (Hinterlegungsnummer 9217) am 24. Mai 1994 hinterlegt und für die Herstellung von rekombinanten Vaccinia Viren eingesetzt. Dazu wurden zu 80 % konfluente 143B Zellen (HuTk-, ATCC CRL 8303) in 35 mm Kulturschalen mit Vaccinia Wildtyp Virus in 2 ml PBS für 30 Minuten bei Raumtemperatur unter gelegentlichem Schütteln infiziert (1 Virus auf 10 Zellen). Nach Absaugen des Überstandes und Zugabe von 2 ml Kulturmedium (MEM, Gibco BRL #041-01095) wurde für 2 Stunden bei 37°C inkubiert. Das Medium wurde anschließend entfernt und die Transformation dieser Zellen mit 100 ng pBP1MP52s, 2 µg Träger DNA (Kalbs-thymus, Boehringer Mannheim #104175) und 10 µl Lipofektin (Gibco BRL #18292-011) in 1 ml MEM für 15 h bei 37°C erreicht. Nach Zugabe von 1 ml MEM mit 20 % FCS (Gibco BRL #011-06290) wurde für weitere 24 Stunden bei 37°C inkubiert und die lysierten Zellen anschließend eingefroren.

Die gpt Selektion auf die Xanthin-Guanin-Phosphoribosyl-Transferase und Isolation und Amplifizierung einzelner rekombinanter Viren erfolgte im wesentlichen wie in Unit 16.17 der CP beschrieben, mit dem Unterschied, daß RK13-Zellen (ATCC CCL 37) verwendet wurden.

Die Integration der MP52 cDNA in das Virus-Genom wurde durch Dot blot und Southern blot Analyse (CP Unit 16.18) bestätigt. Ein rekombinantes Virus wurde für Expressionsanalysen in der Zelllinie 143B (HuTk-, ATCC CRL 8303, human) eingesetzt. Die konfluenten Zellen wurden mit der der Zellzahl entsprechenden Anzahl an Viren für 45 Minuten bei 37°C infiziert und anschließend das entsprechende Kulturmedium (MEM, Gibco BRL #041-01095) mit 10 % FCS und Penicillin/Streptomycin (1:500, Gibco BRL #043-05140H) zugefügt. Nach 6 Stunden bei 37°C wurde das Medium entfernt, die Zellen zweimal mit z.B. HBSS (Gibco BRL #042-04180M) gewaschen und Produktionsmedium (z.B. MEM) ohne FCS zugesetzt. Nach 20 bis 22 Stunden Produktion wurde der Zellüberstand gesammelt. Die Analyse der Expression

- 17 -

erfolgte durch Western blots nach Standardmethoden (CP Unit 10.8). Dafür wurden die Proteine aus 100 bis 500 μ l Zellkulturüberstand durch Zugabe des äquivalenten Volumens an Aceton und Inkubation von mindestens einer Stunde auf Eis präzipitiert und abzentrifugiert. Nach Resuspension des Pellets in Auftragspuffer (7 M Harnstoff, 1 % SDS, 7 mM Natriumdihydrogenphosphat, 0,01 % Bromphenolblau und gegebenenfalls 1 % β -Mercaptoethanol) erfolgte die Auftrennung in 15 %igen Polyacrylamidgelen. Als Markerproteine wurde ein vorgefärbter Protein-Molekulargewichtsstandard (Gibco BRL #26041-020) eingesetzt. Der Transfer auf PVDF-Membran (Immobilon #IPVH00010) und das Abblocken der Membran erfolgten nach Standardmethoden.

Zur Detektion von MP52 auf der Membran waren polyklonale Antikörper gegen MP52 sowohl in Hühnern als auch in Kaninchen erzeugt worden. Dazu wurde der reife Anteil von MP52 mit 6 Histidinen am N-Terminus in E.coli exprimiert und gereinigt, wie z.B. beschrieben in Hochuli et al. (BIO/Technology, Vol. 6, 1321-1325 (1988)). Mit beiden Antikörpern ist es möglich, spezifisch Expression von MP52 nachzuweisen, wobei dimeres MP52 weniger effizient erkannt wird als monomeres. Für den Western blot in Figur 3 wurden Hühner-Antikörper verwendet, die über PEG-Präzipitation (Thalley et al., BIO/Technology Vol. 8, 934-938 (1990)) und über Membran-gebundenes Antigen (reifes MP52 mit 6 Histidinen) (18.17 in Sambrook et al., Molecular Cloning, second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press 1989) spezifisch gereinigt waren. Als zweiter Antikörper wurde Anti-Chicken IgG mit gekoppelter alkalischer Phosphatase (Sigma A9171) eingesetzt. Die Detektion erfolgte mit dem Tropix Western-Light Protein Detection Kit (Serva #WL10RC) nach Herstellerangaben.

Der Western blot in Figur 3 zeigt, daß nur bei den rekombinanten Viren, nicht aber bei den Wildtyp Viren (ohne integrierte Fremd-DNA) MP52 spezifische Banden auftreten. Die Expression von MP52 führt zu einem sekretierten Protein mit

- 18 -

einem im Gel unter nicht reduzierenden Bedingungen erscheinenden Molekulargewicht von ungefähr 25 kDa. Unter reduzierenden Bedingungen läuft das Protein bei 14 bis 15 kDa im Gel. Diese Ergebnisse zeigen, daß MP52 als dimeres reifes Protein exprimiert wird. Bei den im Western blot auftretenden schwachen Banden im Bereich oberhalb von 60 kDa handelt es sich wahrscheinlich um Reste von ungeschnittenen Vorläuferproteinen. Das Laufverhalten bestätigt zudem die aus SEQ ID NO.2 abzuleitenden theoretischen Molekulargewichte, wonach reifes, monomeres MP52 eine Größe von 13.6 kDa besitzt.

Die Expression von MP52 und Spaltung des Vorläuferproteins zum reifen MP52 ist nachweislich in verschiedenen Zelllinien möglich. Getestet wurden C127 (ATCC CRL 1616, Maus), BHK21 (ATCC CCL 10, Hamster), MRC-5 (ATCC CCL 171, Mensch) und 3T6-Swiss albino (ATCC CCL 96, Maus) Zellen.

Expression und Spaltung zum reifen MP52 wurde auch in einem weiteren eukaryontischen Expressionssystem gezeigt. Dafür wurde die cDNA von MP52 (beginnend mit Nukleotid 576) in das Expressionsplasmid pSG5 (Stratagene #216201) kloniert. Das Plasmid pSK52s wurde mit ClaI und XbaI restringiert und durch T4-Polymerasebehandlung die überhängenden Enden des MP52-Inserts stumpf gemacht. Die Klonierung in den mit EcoRI restringierten und durch T4-Polymerasebehandlung ebenfalls stumpfendigen Vektor pSG5 erfolgte nach Standardmethoden. Alle enzymatischen Reaktionen erfolgten nach Herstellerangaben. Die korrekte Orientierung des MP52-Inserts wurde durch Restriktionsanalyse und Ansequenzierung mit dem T7-Primer (Stratagene #300302) abgesichert. Das resultierende Plasmid pSG52s (am 17.05.94 bei der DSM mit der Hinterlegungsnummer DSM 9204 hinterlegt) kann mit einem Vektor, der für einen selektierbaren Marker kodiert, wie z.B. das Gen für G418-Resistenz, kotransformiert werden, um stabile Zelllinien zu erhalten. Zu diesem Zweck wurde pSG52s mit dem Plasmid p3616 (am 17.05.94 bei der DSM mit der Hinterlegungsnummer DSM 9203 hinterlegt) in L929 Zellen (ATCC CCL1, Maus) mit Lipofektin

- 19 -

(Gibco BRL #18292-011) nach Herstellerangaben kotransformiert. Die Selektion mit G418 erfolgte nach dem Fachmann bekannten Methoden (CP, unit 9.5) und führte zu einer Zelllinie, die im Western blot nachweisbar reifes MP52 produziert.

Ein weiterer Expressionsvektor für MP52 wurde unter Verwendung des Plasmides pABWN (Niwa et al., Gene 108 (1991), 193-200 und Figur 4), das von Dr. Miyazaki zur Verfügung gestellt wurde, hergestellt.

Dazu wurde das Hind III Fragment aus dem Plasmid pSK52s, das mit dem Nukleotid 576 in SEQ ID NO. 1 beginnt, isoliert und die überhängenden Enden durch Behandlung mit Klenow Fragment stumpfendig gemacht. Durch Ligation des Adapters wurde an beiden Fragmentenden eine Not I Restriktionsschnittstelle eingeführt.

Adapter: AGCGGCCGCT
TCGCCGGCGA

Der Vektor pABWN wurde mit Xho I restringiert, ebenfalls mit dem Klenow Fragment behandelt und mit der intestinalen Alkalischen Phosphatase vom Kalb (Boehringer Mannheim) dephosphoryliert. Derselbe phosphorylierte Adapter wurde anligiert, so daß nun eine Insertion des MP52-Fragmentes nach Restriktion mit Not I in die generierte Not I Schnittstelle des Vektors möglich war. Der resultierende Expressionsvektor wird nachfolgend als Hind III-MP52/pABWN bezeichnet. Alle durchgeführten Reaktionen für die Klonierung erfolgten nach Standardmethoden (z.B. CP unit 3.16).

Die Struktur des Hind III-MP52/pABWN Expressionsvektors wurde durch Sequenzierung und Restriktionskartierung bestätigt. Hind III-MP52/pABWN enthält die MP52-Sequenz beginnend mit Nukleotid 576 und endend mit Nukleotid 2278 in SEQ ID NO. 1.

HindIII-MP52/pABWN wurde in L-Zellen (Maus-Fibroblasten) transfiziert, und es wurden daraus stabile Transformanten etabliert. Dazu wurden jeweils 4 µg der Plasmide (Hind III-MP52/pABWN oder pABWN) in 5×10^5 L-Zellen auf einer 6 cm Kulturschale unter Verwendung von 20 µl LipofectAMINE Reagenz (Gibco BRL #18324-012) transfiziert. Dazu wurde Lösung A (4 µg der jeweiligen Plasmid DNA in 200 µl OPTI-MEM I (Gibco BRL # 31985)) vorsichtig gemischt mit Lösung B (20 µl LipofectAMINE Reagenz in 200 µl OPTI-MEM I) und bei Raumtemperatur für 45 Minuten zur Bildung des DNA-Liposomen Komplexes inkubiert. Während dessen wurden die Zellen einmal mit 2 ml OPTI-MEM I gewaschen. Für jede Transfektion wurden 1,6 ml OPTI-MEM I zu dem Gefäß mit dem DNA-Liposomen

Komplex gegeben. Die Lösung wurde vorsichtig gemischt und damit die gewaschenen Zellen überschichtet. Die Zellen wurden mit dem verdünnten Komplex für 5 Stunden bei 37°C im CO₂ Inkubator inkubiert. Nach der Inkubation wurden 2 ml DMEM (Gibco BRL, Dulbecco's Modifiziertes Eagle Medium) / 20% FCS zugegeben. 24 Stunden nach der Transfektion wurde das Medium mit frischem DMEM/10% FCS ersetzt. 48 Stunden nach Beginn der Transfektion wurden die Zellen in eine 10 cm Kulturschale überführt. 72 Stunden nach Beginn der Transfektion wurde die G418 Selektion mit einer Konzentration von 800 µg/ml begonnen. Die stabilen Klone erschienen nach 1 bis 2 Wochen.

5 ml konditioniertes DMEM mit oder ohne FCS wurde von konfluenten Transformanten erhalten, die 3 Tage in einer 10 cm Kulturschale gewachsen waren. Die 2 verschiedenen Zellkulturüberstände (HindIII-MP52/pABWN und pABWN) transfizierter Zellen sowie Zellysate wurden im Western blot untersucht. Dabei wurde reifes MP52 in konditioniertem Medium sowie in Zellysaten von HindIII-MP52/pABWN transfizierten Zellen gefunden. Die Klone wurden weiterkloniert und MP52 produzierende Zellen jeweils nach Western blot Analyse ausgewählt. Abschätzungen aus Western blot Analysen ergaben MP52 Produktion von bis zu 1 mg/l.

Beispiel 3:

Biologische Aktivität von MP52

Um die biologische Aktivität von MP52 nachzuweisen und die Nützlichkeit dieser Erfindung für medizinische Anwendungen zur Vermeidung und/oder Behandlung von Knochenkrankheiten zu belegen, wurden mehrere Experimente *in vitro* und *in vivo* durchgeführt.

1. *In vitro* assays

1.1

Da eine Steigerung der Glykosaminoglykan (GAG) Synthese in Chondrozyten nach TGF-β Stimulation beschrieben ist (Hiraki et al., Biochimica et Biophysica Acta 969 (1988), 91-99), wurde untersucht, ob MP52 ebenfalls diesen Einfluß ausübt. Unter Verwendung der Zellkulturüberstände (DMEM mit 10% FCS) von MP52 produzierenden L-Zelltransformanten (transfiziert mit Hind III-

MP52/pABWN), wurde die chondrogene Aktivität von MP52 in Primärkulturen aus fötalen Rattenextremitäten getestet.

Dazu wurden die vier Extremitäten von 16-Tage alten Rattenföten verwendet. Nach Trypsinierung wurden die gewonnenen Zellen in F-12 Medium (Nutrient Mixture Ham's F-12, Gibco BRL #21700) mit 10% FCS auf Kollagen-Typ I beschichteten 24-Well Platten mit 3×10^5 Zellen ausplattiert und ca. 2 Tage bis zur Konfluenz kultiviert. Zu 500 μ l Kulturmedium (F-12 Medium mit 10% FCS) wurden jeweils 56 μ l konditioniertes Medium (KM) von HindIII-MP52/pABWN-L-Zelltransfektanten, von pABWN-L-Zelltransfektanten oder nur Medium (DMEM mit 10% FCS) gegeben. Über einen Zeitraum von 0, 3, 6 und 9 Tagen wurde F-12 Medium mit 10% FCS sowie den entsprechenden Zusätzen verwendet. Alle drei Tage erfolgte ein Wechsel des Mediums mit den entsprechenden Zusätzen. Danach wurde die Kultur für weitere 2 Tage in F-12 Medium ohne FCS in Anwesenheit der entsprechenden Zusätze (konditionierte Medien bzw. Kontrollmedium) kultiviert und dann ^{35}S -Sulfat für 6 Stunden zugesetzt. In Polysaccharide inkorporiertes ^{35}S wurde nach Pronase E Verdau und Präzipitation wie in Hiraki et al. (Biochimica et Biophysica Acta 969 (1988), 91-99) beschrieben, gemessen.

Tabelle 1:

Anzahl der Inkubationstage	Radioaktivität (cpm/well)		
	DMEM (10%FCS) von Kontroll-L-Zellen	KM von pABWN-L-Zelltransfektanten	KM von HindIII-MP52/pABWN-L-Zelltransfektanten
2	3720 \pm 114	3865 \pm 120	4879 \pm 422
5	4188 \pm 135	4154 \pm 29	8223 \pm 275*
8	3546 \pm 160	3310 \pm 115	9890 \pm 1260*
11	3679 \pm 218	3633 \pm 167	7520 \pm 160*

Werte beziehen sich auf \pm S.E.M. für 3 oder 4 Kulturansätze

*: $p < 0,01$ vs DMEM und KM von pABWN-L-Zelltransfektanten (Scheffe's multiple t-test)

Wie in Tabelle 1 gezeigt, stimulieren die Zellkulturüberstände der MP52 produzierenden Transfektanten signifikant die GAG Synthese im Vergleich zu reinem Kulturmedium (DMEM mit 10% FCS) oder dem Zellkulturüberstand

von pABWN-transfizierten L-Zellen. Dies zeigt, daß MP52 die Chondrozytendifferenzierung stimulieren kann.

1.2

Ein beschriebener Effekt für einige Mitglieder der BMP-Familie ist die Steigerung der alkalische Phosphatase (ALP)-Aktivität in Osteoblasten. Die klonale Ratten-Zelllinie ROB-C26 (C-26) zählt zu den Osteoblasten eines relativ frühen Reifestadiums (Yamaguchi et al., *Calcif. Tissue Int.* 49 (1991), 221-225). Für osteoinduktive Proteine wie z.B. das BMP-2 ist die Fähigkeit zur Steigerung der ALP-Aktivität bei Yamaguchi et al. (*J. Cell Biol.* 113 (1991), 681-687) beschrieben.

Der Einfluß von MP52 auf C26-Zellen wurde wie folgt untersucht: Die C26-Zellen wurden mit 3×10^4 Zellen pro Well in eine 24-Well Platte ausgesät und in α -MEM (Gibco BRL) / 10% FCS bis zur Konfluenz kultiviert. Pro Well wurden 56 μ l des Zellkulturüberstandes von MP52 produzierenden L-Zelltransfektanten (Hind III-MP52/pABWN) bzw. Zellkulturüberstand von pABWN-L-Zelltransfektanten oder nur Zellkulturüberstand (DMEM mit 10% FCS) von L-Zellen zu 500 μ l des C-26 Zellkulturmediums gegeben. Ein Mediumwechsel mit den entsprechenden Zusätzen erfolgte alle drei Tage. Die ALP-Aktivität in den Zellextrakten wurde nach 0, 3, 6, 9 und 12 Tagen mit Hilfe von Standardtechniken basierend auf p-Nitrophenyl-Phosphat als Substrat, wie z.B. beschrieben bei Takuwa et al. (*Am. J. Physiol.* 257 (1989), E797-E803), bestimmt.

Tabelle 2:

ALP-Aktivität (nmol/min) pro Well

Anzahl der Inkubationstage	DMEM (10%FCS) von Kontroll-L-Zellen	KM von pABWN-L-Zelltransfektanten	KM von HindIII-MP52/pABWN-L-Zelltransfektanten
0	41,8 \pm 2,8	41,8 \pm 2,8	41,8 \pm 2,8
3	136,3 \pm 3,7	125,8 \pm 2,3	181,3 \pm 14,2*
6	129,0 \pm 7,8	119,3 \pm 6,4	258,0 \pm 8,3*
9	118,4 \pm 3,7	110,1 \pm 2,8	258,4 \pm 10,6*
12	121,2 \pm 3,2	125,3 \pm 6,0	237,8 \pm 11,0*

Werte beziehen sich auf \pm S.D. für 4 Kulturansätze

*: $p < 0,01$ vs DMEM und KM von pABWN-L-Zelltransfektanten (Scheffe's multiple t-test)

Wie in Tabelle 2 gezeigt wird, steigt die ALP-Aktivität durch die MP52 Zugabe signifikant im Vergleich zu reinem DMEM/10%FCS Medium und Medium von pABWN-infizierten L-Zellen an. Dieses Ergebnis zeigt, daß MP52 nicht nur die Chondrozyten Differenzierung, sondern auch Osteoblasten Differenzierung und Reifung bewirken kann.

Eine weitere Osteoblastenzelllinie (MC3T3-E1, Maus), die wie bei Takuwa et al. (Biochem. Biophys. Res. Com. 174 (1991), 96-101) beschrieben durch BMP-2 Behandlung einen Anstieg der ALP-Aktivität zeigt, gibt nach Inkubation mit konditioniertem Medium von MP52 produzierenden L-Zelltransfektanten (Hind III-MP52/pABWN) oder Medium nach MP52 Produktion durch Infektion mit rekombinanten Vaccinia Viren keine Veränderung der ALP-Aktivität. Dies weist darauf hin, daß MP52 z.T. eine von BMP-2 abweichende Zellspezifität besitzt. Unterschiedliche Funktionen bedingt durch verschiedene Zielorte für die einzelnen TGF- β Familienmitglieder können von großer medizinischer Relevanz sein.

2. *In vivo* Experimente

2.1

Die aussagekräftigste Möglichkeit Knochenentwicklung zu untersuchen, basiert auf der ektopischen Knochenbildung *in vivo*. Diese kann z.B. durch Implantation von entmineralisierter Knochenmatrix induziert werden (Urist, Science 150 (1965), 893-899). Durch Kombination von inaktiver Matrix mit knocheninduzierenden Proteinen kann der gleiche Prozess induziert werden, wie es z.B. beschrieben ist bei Sampath et al. (PNAS 78 (1981), 7599-7603). Dieser Knochenbildungsprozeß gleicht dem der embryonalen enchondralen Knochenbildung und der adulten Knochenheilung. Somit bietet diese Methode die Möglichkeit, Proteine auf ihre Fähigkeit zur Knocheninduktion *in vivo* zu untersuchen. * Proc.Natl.Acad.Sci. USA

Für ein solches Experiment wurde MP52 Protein, welches durch Expression im Vaccinia System (siehe Beispiel 2) gewonnen wurde, teilgereinigt und implantiert.

Dazu wurden 143B Zellen (HuTk-, ATCC CRL 8303) in Kulturschalen und Rollerflaschen bis zur Konfluenz angezogen und, wie in Beispiel 2 für Expressionsanalysen beschrieben, mit rekombinanten Viren infiziert, gewaschen und für ungefähr 20 Stunden MP52 in MEM (Gibco BRL, ca. 1 ml pro 10^6 Zellen) akkumulieren gelassen. Als Kontrolle erfolgte der gleiche Ansatz durch Infektion mit Wildtyp Viren. Zellkulturüberstand (konditioniertes Medium) von jedem Ansatz wurde gesammelt und

zentrifugiert ($40000 \times g$ für 30 Minuten bei 4°C). Zur Entfernung der Viren wurden die Überstände über anorganische Filter ($0.1 \mu\text{m}$ Porengröße, Whatman, Anotop 25) filtriert. Im Verlauf der Charakterisierung von MP52 konnte gezeigt werden, daß dieses Protein an Heparin Sepharose bindet. Dieses Verhalten wurde für eine Teilreinigung ausgenutzt. Dazu wurde das filtrierte und zentrifugierte, konditionierte Medium auf eine Endkonzentration von 50 mM Tris pH 7.0, 100 mM NaCl und 6 M Harnstoff gebracht und auf eine Heparin Säule (HiTrap™, Pharmacia #17-0407-01), die äquilibriert war in Puffer A (50 mM Tris pH 7.0, 100 mM NaCl und 6 M Harnstoff), geladen. Die beladene Säule wurde mit Puffer A gewaschen und mit einem linearen Gradienten nach 100 % Puffer B (50 mM Tris pH 7.0, 600 mM NaCl und 6 M Harnstoff) bei einer Durchflußrate von 0.5 ml/min innerhalb von 50 min eluiert (2,5 ml pro Fraktion). Die Verwendung von Harnstoff ist nicht zwingend. Über Western blot Analyse (siehe Beispiel 2) konnte überprüft werden, daß MP52 reproduzierbar hauptsächlich in 2 Fraktionen bei ungefähr 250 bis 400 mM NaCl eluiert. Aliquots dieser Fraktionen wurden ebenfalls in nach Herstellerangaben mit Silber gefärbten 15%igen Polyacrylamidgelen (Silver Stain-II, Daiichi #SE140000) überprüft und die Fraktionen gepoolt. Die vergleichbaren Fraktionen nach Reinigung von konditioniertem Medium nach Infektion mit Wildtyp-Viren wurden nach Analyse in mit Silber gefärbten Gelen ebenfalls gepoolt.

Aus weiteren Untersuchungen zu MP52 ergab sich, daß MP52 auch an Hydroxyapatit bindet. Deshalb ist es prinzipiell möglich, eine zusätzliche Reinigung durch eine Hydroxyapatitsäule zu erreichen, bzw. eine Heparinsäule durch eine Hydroxyapatitsäule (z.B.: BIO-RAD, Econo-pac HTP) zu ersetzen. Denkbar sind für weitere Aufreinigungen auch andere dem Fachmann bekannte Methoden wie z.B. Gelsiebsäulen, Ionenaustauschersäulen, Affinitätssäulen, Metallchelatsäulen oder Säulen basierend auf hydrophobe Wechselwirkungen.

Das über Heparin Sepharose Chromatographie vorgereinigte MP52 Protein bzw. die entsprechend noch kontaminierenden Proteine, die sich auch in den Wildtyp infizierten Zellkulturüberständen befinden, wurden weiter mit Hilfe einer Reversed Phase HPLC aufgereinigt. Dazu wurde eine C8-Säule (Aquapore RP300, Applied Biosystems, Partikelgröße: $7\mu\text{m}$, Porengröße: 300\AA) equilibriert mit 10% Puffer B (Puffer A: 0,1% Trifluoressigsäure; Puffer B: 90% Acetonitril, 0,1% Trifluoressigsäure). Nach Beladung der Säule mit den gepoolten, MP52 enthaltenden Fraktionen der Heparinsäule wurde ausgiebig mit 10% Puffer B gewaschen. Das gebundene Protein wurde mit folgendem Gradienten eluiert: 10 bis 50% Puffer B über 20 Minuten und 50 bis 100% Puffer B über 50 Minuten. Fraktionen zu 500 μl wurden gesammelt und sowohl im Western blot als auch in mit Silber gefärbten Gelen analysiert. Das MP52 Protein eluiert unter den gewählten Bedingungen ungefähr im Bereich von 55 bis 65 % Acetonitril. Die Fraktionen mit MP52 wurden gepoolt. Das gleiche erfolgte mit den korrespondierenden Fraktionen aus der Kontrollreinigung von Zellkulturüberstand der mit Wildtyp-Viren infizierten Zellen.

Auch teilgereinigtes MP52-Protein zeigte in einer nach Western blot Analyse abgeschätzten Konzentration von 50 ng/ml eine deutliche Steigerung der ALP-Aktivität auf ROB-C26-Zellen nach drei Inkubationstagen.

Teilgereinigtes MP52-Protein bzw. Kontrollprotein aus den entsprechend teilgereinigten Zellkulturüberständen nach Wildtyp-Viren-Infektion wurden mit Matrix rekonstituiert und in Ratten implantiert, um die Fähigkeit zur Knorpel- und Knochenbildung unter Beweis zu stellen.

Prinzipiell sollten verschiedene dem Fachmann bekannte Matrixmaterialien verwendbar sein, d.h. natürliche (auch modifizierte) und synthetisch hergestellte Matrices, bevorzugt sind aber biokompatible, *in vivo* biologisch abbaubare poröse Materialien. In diesen Experimenten wurde Knochenmatrix von Ratten verwendet, die im wesentlichen ähnlich wie bei Sampath et al. (PNAS 80 (1983), 6591-6595) beschrieben präpariert wurde. Die Rattenknochen (Femur und Tibia) wurden in 0,6 M HCL für 24 Stunden entmineralisiert und anschließend noch vorhandenes Knochenmark entfernt. Nach Waschen mit Wasser und dreistündigem Entfetten in einem Chloroform/Methanol (1/1) Gemisch wurden die Knochen luftgetrocknet, tiefgefroren in einer Mühle pulverisiert und Partikelgrößen zwischen 400 bis 1000 µm herausgesiebt. Anschließend wurde die Matrix für 7 Tage bei Raumtemperatur in 4 M Guanidinium-HCl in Gegenwart von Proteaseinhibitoren extrahiert. Nach intensivem Waschen mit Wasser wurde die Matrix lyophilisiert und bei 4°C aufbewahrt. So behandelte Matrices zeigen alleine keine knocheninduzierende Aktivität mehr.

Protein kann über verschiedene dem Fachmann bekannte Methoden mit der extrahierten Knochenmatrix kombiniert werden.

MP52-Protein bzw. Kontrollprotein, das sowohl über Heparin Sepharose als auch Reversed Phase HPLC gereinigt war, wurde in der Acetonitril/Trifluoressigsäure Lösung nach Elution mit je 25 mg Matrix pro Implantat vereinigt, gut gemischt, tiefgefroren und lyophilisiert.

Für die Implantation von matrixgebundenem MP52 wurden zwei ca. 3 Monate alte Ratten (Whistar) verwendet, die durch intramuskuläre Injektion eines Narkotisierungsmittels (0,2 ml Rompun (Bayer) gemischt mit 0,5 ml Ketanest 50 (Parke Davis)) mit 0,14 ml pro 100 g Körpergewicht betäubt worden waren. Für die Implantate wurden bilateral Taschen in der Bauchmuskulatur (unterhalb des Thorax, beginnend ca. 0,5 cm unterhalb des untersten Rippenbogens) präpariert. Das matrixgebundene MP52 (ca. 2 bis 4 µg nach Abschätzung auf Western blots) sowie die entsprechend matrixgebundenen Kontrollproteine wurden mit 0,9 %iger Kochsalzlösung (Delta Pharma) angefeuchtet und in die Muskeltaschen überführt. Die Muskeltaschen sowie die notwendigen Hautschnitte wurden anschließend vernäht. Die Ratten wurden mit Cyclosporin A (Sandimmun) immunsupprimiert.

Nach 18 bzw. nach 26 Tagen wurden die Implantate aus den Ratten entnommen und für histologische Untersuchungen fixiert. Da das Implantat mit MP52 nach 26 Tagen bereits makroskopisch die Bildung von Knochen vermuten ließ, wurde dieses zur Anfertigung von Dünnschnitten in Methylmethacrylat eingebettet, die anderen Implantate wurden in Paraffin

eingebettet. Mineralisierte Knorpel- und Knochengewebe werden durch die von Kossa Färbetechnik (Romeis, B.; Mikroskopische Technik, Ed: Böck, P.; Urban und Schwarzenberg; München, Baltimore, Wien (1989)) schwarz hervorgehoben. Bei der Trichromfärbung nach Masson-Goldner (Romeis, B.; Mikroskopische Technik, Ed: Böck, P.; Urban und Schwarzenberg; München, Baltimore, Wien (1989)) wird mineralisiertes Knochengewebe und Kollagen leuchtend grün gefärbt, Osteoid ist rot und Zytoplasma rötlich-braun. Beide Färbetechniken wurden auf die Implantate aus beiden Ratten angewendet. Mit beiden Färbetechniken konnte in beiden Versuchstieren deutliche Knorpel- und Knochenbildung in den Implantaten, die MP52 enthalten, nachgewiesen werden. Die korrespondierenden Implantate mit Kontrollprotein zeigten keinerlei Knorpel- oder Knochenbildung. Der Anteil an Knorpelvorstufen mit Chondrozyten und Knorpelarealen mit beginnender Bildung von Extrazellulärmatrix und deren Mineralisierung in konzentrischen Kreisen ist in dem MP52 Implantat nach 18 Tagen höher als in dem von 26 Tagen. Aber auch in dem Implantat nach 18 Tagen sind bereits reifes Knochengewebe mit vektorieller Osteoidbildung sowie einzelne Osteocyten im Knochen nachweisbar. Weiterhin sind geschlossene Ossikel mit beginnender Knochenmarksbildung erkennbar. Bei dem Implantat nach 26 Tagen sind auch noch Knorpelareale mit beginnender Matrixbildung und Kalzifizierung nachweisbar, der Anteil an dem grün gefärbten mineralisierten Knochengewebe mit Osteocyten und Osteoidsäumen hat jedoch deutlich zugenommen. Auch in diesem Implantat ist Knochenmarksbildung mit vereinzelt Fettsäurevorkommen nachweisbar. Zur Veranschaulichung zeigt Figur 5 den färberischen Nachweis (von Kossa) des Knochenmaterials vom Gesamtimplantat nach 26 Tagen. In Figur 6 ist ein kleiner Ausschnitt desselben Implantates nach Masson-Goldner Färbung gezeigt. Es zeigt aktiven Knochen mit einem Saum aus kubiodalen Osteoblasten und Osteoid in dem einzelne eingemauerte Osteoblasten erkennbar sind. Des weiteren sind einzelne Osteocyten im mineralisierten Knochengewebe (im Originalpräparat grün angefärbt) sichtbar. Die Knochenmarksbildung ist ebenfalls nachweisbar.

Der Versuch zeigt, daß rekombinant erzeugtes MP52 alleine, in Kombination mit einer Matrix, in der Lage ist enchondrale Knochenbildung zu induzieren.

2.2

Zur Bestätigung der Ergebnisse wurde ein weiterer ektopischer Knochenbildungstest unter Verwendung der MP52 L-Zelltransformatanten durchgeführt. MP52 produzierende (Hind III-MP52/pABWN transfizierte) und nicht-produzierende (pABWN transfizierte) L-Zellen (1×10^6 Zellen) wurden in die beidseitige Schenkelmuskulatur von je drei männlichen Nacktmäusen injiziert. Nach drei Wochen wurden alle Tiere getötet, die Schenkelmuskulatur abgetrennt und diese sowohl mit niedrigerenergetischer Röntgenstrahlung als auch histopathologisch untersucht.

Wie in Tabelle 3 aufgelistet, zeigt die Röntgenstrahlanalyse dichtes Material an den Injektionsstellen im Muskelgewebe aller MP52-produzierenden L-Zellen. Mit histologischen Untersuchungen konnte einfache Knorpelbildung und kalzifizierte Knorpelbildung in den Muskeln festgestellt werden. Auch diese Ergebnisse bestätigen, daß MP52 enchondodrale Knochenbildung induzieren kann.

Tabelle 3:

	MP52 produzierende Zellen (HindIII-MP52/pABWN)	Kontrollzellen (pABWN)
dichtes Material bei Röntgenanalyse	3/3	0/3
Chondrocyten bei Histologie	3/3	0/3
Kalzifizierende Knorpelbildung bei Histologie	3/3	0/3

Die durchgeführten Experimente bestätigen, daß MP52 Protein die Bildung von Knorpel aus undifferenzierten Mesenchymzellen, sowie die Differenzierung und Reifung von Osteoblasten stimuliert. Dies führt zu einer enchondralen Knochenbildung, die der Induktionskaskade bei der embryonalen Knochenbildung und der Knochenheilung bei Frakturen gleicht.

Die in den Versuchen aufgeführten Bedingungen sind als Illustration der MP52 Aktivität und nicht als Begrenzung zu betrachten. Die Erfindung kann auch in anderer Form untersucht und charakterisiert werden.


Für die in der Anmeldung genannten Zelllinien und Plasmide sind als Anlage die Hinterlegungsbescheinigungen beigelegt, aus denen die Hinterlegungsangaben ersichtlich sind.

- 28 -
UDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH
Postfach 101425
6900 Heidelberg

RECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR SKL 52 (H3) MP12	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 7353
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR TAXONOMIC DESIGNATION	
The microorganism identified under I. above was accompanied by: <div style="margin-left: 40px;"><input checked="" type="checkbox"/> a scientific description <input type="checkbox"/> a proposed taxonomic designation</div> (Mark with a cross where applicable)	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
This International Depositary Authority accepts this microorganism identified under I. above, which was received by it on 1992-12-10 (Date of original deposit) ¹	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Maascheroder Weg 1 B D-3300 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s):  Date: 1992-12-15

¹ Where Rule 6.4(d) applies, such date is the date on which the status of international depositary authority was acquired.

- 29 -

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH
Postfach 10 14 25
6900 Heidelberg

RECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR Lambda 2.7.4	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 7387
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR TAXONOMIC DESIGNATION	
<p>The microorganism identified under I. above was accompanied by:</p> <p>(X) a scientific description (X) a proposed taxonomic designation</p> <p>(Mark with a cross where applicable)</p>	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
<p>This International Depositary Authority accepts this microorganism identified under I. above, which was received by it on 1993-01-13 (Date of original deposit)¹</p>	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
<p>The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).</p>	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
<p>Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH</p> <p>Adress: Mascheroder Weg 1 B D-3300 Braunschweig</p>	<p>Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s): <i>U. Weis</i> Date: 1993-01-15</p>

¹ Where Rule 6.4(d) applies, such date is the date on which the status of international depositary authority was acquired.

- 30 -

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH
Czernyring 22
D-69115 HeidelbergRECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR SK52L15.1MP25	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 8421
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR TAXONOMIC DESIGNATION	
The microorganism identified under I. above was accompanied by: (X) a scientific description () a proposed taxonomic designation (Mark with a cross where applicable)	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
This International Depositary Authority accepts this microorganism identified under I. above, which was received by it on 1993-07-16 (Date of original deposit) ¹	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Mascheroder Weg 1 B D-38124 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s): <i>U. W. L. J.</i> Date: 1993-07-21

¹ Where Rule 6.4(d) applies, such date is the date on which the status of international depositary authority was acquired.

- 31 -

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH

Postfach 10 14 15
69004 HeidelbergRECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR: p3616	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 9203
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR PROPOSED TAXONOMIC DESIGNATION	
The microorganism identified under I. above was accompanied by: (X) a scientific description () a proposed taxonomic designation (Mark with a cross where applicable).	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
This International Depositary Authority accepts the microorganism identified under I. above, which was received by it on 1994-05-17 (Date of the original deposit) ¹ .	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Mascheroder Weg 1b D-38124 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s): <i>U. Weiler</i> Date: 1994-05-19

¹ Where Rule 6.4 (d) applies, such date is the date on which the status of international depositary authority was acquired.


- 32 -

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH

Postfach 10 14 25
69004 HeidelbergRECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR: pBP1MP52s	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 9217
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR PROPOSED TAXONOMIC DESIGNATION	
The microorganism identified under I. above was accompanied by: <input checked="" type="checkbox"/> a scientific description <input type="checkbox"/> a proposed taxonomic designation (Mark with a cross where applicable).	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
This International Depositary Authority accepts the microorganism identified under I. above, which was received by it on 1994-05-24 (Date of the original deposit) ¹ .	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Mascheroder Weg 1b D-38114 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s):  Date: 1994-05-25

¹ Where Rule 6.4 (d) applies, such date is the date on which the status of International depositary authority was acquired.

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL
RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS
FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

INTERNATIONAL FORM

Biopharm GmbH

Postfach 10 14 15
69004 HeidelbergRECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT
issued pursuant to Rule 7.1 by the
INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY
identified at the bottom of this page

I. IDENTIFICATION OF THE MICROORGANISM	
Identification reference given by the DEPOSITOR: pSG52s	Accession number given by the INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY: DSM 9204
II. SCIENTIFIC DESCRIPTION AND/OR PROPOSED TAXONOMIC DESIGNATION	
The microorganism identified under I. above was accompanied by: (X) a scientific description () a proposed taxonomic designation (Mark with a cross where applicable).	
III. RECEIPT AND ACCEPTANCE	
This International Depositary Authority accepts the microorganism identified under I. above, which was received by it on 1994-05-17 (Date of the original deposit) ¹ .	
IV. RECEIPT OF REQUEST FOR CONVERSION	
The microorganism identified under I above was received by this International Depositary Authority on (date of original deposit) and a request to convert the original deposit to a deposit under the Budapest Treaty was received by it on (date of receipt of request for conversion).	
V. INTERNATIONAL DEPOSITARY AUTHORITY	
Name: DSM-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN UND ZELLKULTUREN GmbH Address: Mascheroder Weg 1b D-38124 Braunschweig	Signature(s) of person(s) having the power to represent the International Depositary Authority or of authorized official(s): <i>C. W. J. J. J.</i> Date: 1994-05-19

¹ Where Rule 6.4 (d) applies, such date is the date on which the deposit was made at the International Depositary Authority.

- 34 -

SEQ ID NO. 1

ART DER SEQUENZ: Nukleinsäuresequenz

NAME UND HERKUNFT: MP-52-DNA

LÄNGE: 2703 Nukleotide

CCATGGCCTCGAAAGGGCAGCGGTGATTTTTTTTACATAAATATATCGCACTTAAATGAG
TTTAGACAGCATGACATCAGAGAGTAATTAAATTGGTTTGGGTTGGAATTCGGTTTCCAA
TTCCTGAGTTCAGGTTTGTAAAAGATTTTTCTGAGCACCTGCAGGCCTGTGAGTGTGTGT
GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGAAGTATTTTCACTGGAAAGGATTCAAAACTA
GGGGGAAAAAACTGGAGCACACAGGCAGCATTACGCCATTCTTCCTTCTTGAAAAA
TCCCTCAGCCTTATACAAGCCTCCTTCAAGCCCTCAGTCAGTTGTGCAGGAGAAAGGGGG
CGGTTGGCTTTCTCCTTTCAAGAACGAGTTATTTTCAGCTGCTGACTGGAGACGGTGCAC
GTCTGGATACGAGAGCATTTCCTATGGGACTGGATACAAACACACACCCGGCAGACTT
CAAGAGTCTCAGACTGAGGAGAAAGCCTTTCTTCTGCTGCTACTGCTGCTGCCGCTGCT
TTTGAAAGTCCACTCCTTTCATGGTTTTTCTGCCAAACCAGAGGCACCTTTGCTGCTGC
CGCTGTTCTCTTTGGTGTCAATCAGCGGCTGGCCAGAGGATGAGACTCCCCAACTCCTC
ACTTTCTTGCTTTGGTACCTGGCTTGGCTGGACCTGGAATTCATCTGCACTGTGTTGGGT
GCCCCTGACTTGGGCCAGAGACCCCAGGGGACCAGGCCAGGATTGGCCAAAGCAGAGGCC
AAGGAGAGGCCCCCCTGGCCCGGAACGTCTTCAGGCCAGGGGGTCACAGCTATGGTGGG
GGGGCCACCAATGCCAATGCCAGGGCAAAGGGAGGCACCGGGCAGACAGGAGGCCTGACA
CAGCCCAAGAAGGATGAACCCAAAAAGCTGCCCCCAGACCGGGCGGCCCTGAACCCAAG
CCAGGACACCCTCCCCAAACAAGGCAGGCTACAGCCCGGACTGTGACCCCAAAGGACAG
CTTCCCGGAGGCAAGGCACCCCCAAAAGCAGGATCTGTCCCAGCTCCTTCTGCTGAAG
AAGGCCAGGGAGCCCGGGCCCCCAGAGAGCCCAAGGAGCCGTTTCGCCCACCCCCATC
ACACCCACAGTACATGCTCTCGCTGTACAGGACGCTGTCCGATGCTGACAGAAAGGGA
GGCAACAGCAGCGTGAAGTTGGAGGCTGGCCTGGCCAACACCATCACCAGCTTTATTGAC
AAAGGGCAAGATGACCGAGGTCCCGTGGTCAGGAAGCAGAGGTACGTGTTTGACATTAGT
GCCCTGGAGAAGGATGGGCTGCTGGGGGCCGAGCTGCGGATCTTGCGGAAGAAGCCCTCG
GACACGGCCAAGCCAGCGGCCCCCGGAGGCGGGCGGGCTGCCAGCTGAAGCTGTCCAGC
TGCCCCAGCGGCCGGCAGCCGGCCTCCTTGCTGGATGTGCGCTCCGTGCCAGGCCTGGAC
GGATCTGGCTGGGAGGTGTTTCGACATCTGGAAGCTCTTCCGAAACTTTAAGAACTCGGCC
CAGCTGTGCCTGGAGCTGGAGGCCTGGGAACGGGGCAGGGCCGTGGACCTCCGTGGCCTG
GGCTTCGACCGCGCCCGCCGGCAGGTCCACGAGAAGGCCCTGTTCTGGTGTTTGGCCGC
ACCAAGAAACGGGACCTGTTCTTTAATGAGATTAAGGCCCGCTCTGGCCAGGACGATAAG

- 35 -

ACCGTGTATGAGTACCTGTTTCAGCCAGCGGCGAAAACGGCGGGCCCCACTGGCCACTCGC
CAGGGCAAGCGACCCAGCAAGAACCTTAAGGCTCGCTGCAGTCGGAAGGCACTGCATGTC
AACTTCAAGGACATGGGCTGGGACGACTGGATCATCGCACCCCTTGAGTACGAGGCTTTC
CACTGCGAGGGGCTGTGCGAGTTCCCATTTGCGCTCCACCTGGAGCCCACGAATCATGCA
GTCATCCAGACCCTGATGAACTCCATGGACCCCGAGTCCACACCACCCACCTGCTGTGTG
CCCACGCGGCTGAGTCCCATCAGCATCCTCTTCATTGACTCTGCCAACAACGTGGTGTAT
AAGCAGTATGAGGACATGGTCGTGGAGTCGTGTGGCTGCAGGTAGCAGCACTGGCCCTCT
GTCTTCCTGGGTGGCACATCCCAAGAGCCCCTTCCTGCACTCCTGGAATCACAGAGGGGT
CAGGAAGCTGTGGCAGGAGCATCTACACAGCTTGGGTGAAAGGGGATTCCAATAAGCTTG
CTCGCTCTCTGAGTGTGACTTGGGCTAAAGGCCCCCTTTTATCCACAAGTTCCCCTGGCT
GAGGATTGCTGCCCCGTCTGCTGATGTGACCAGTGGCAGGCACAGGTCCAGGGAGACAGAC
TCTGAATGGGACTGAGTCCCAGGAAACAGTGCTTTCCGATGAGACTCAGCCCACCATTTC
TCCTCACCTGGGCCTTCTCAGCCTCTGGACTCTCCTAAGCACCTCTCAGGAGAGCCACAG
GTGCCACTGCCTCCTCAAATCACATTTGTGCCTGGTGACTTCCTGTCCCTGGGACAGTTG
AGAAGCTGACTGGGCAAGAGTGGGAGAGAAGAGGAGAGGGCTTGGATAGAGTTGAGGAGT
GTGAGGCTGTTAGACTGTTAGATTTAAATGTATATTGATGAGATAAAAAGCAAACTGTG
CCT

- 36 -

SEQ ID NO:2

ART DER SEQUENZ: Aminosäuresequenz

NAME UND HERKUNFT: MP-52-Protein

LÄNGE: 501 Aminosäuren

MRLPKLLTFL LWYLAWLDLE FICTVLGAPD LGQRPQGTRP GLAKAEAKER
PPLARNVFRP GGHSYGGGAT NANARAKGGT GQTGGLTQPK KDEPKKLPPR
PGGPEPKPGH PPQTRQATAR TVTPKGQLPG GKAPPKAGSV PSSFLLKKAR
EPGPPREPKE PFRPPPIITPE EYMLSlyRTL SDADRKGGNS SVKLEAGLAN
TITSFIDKGQ DDRGPVVRKQ RYVFDisALE KDGLLGAE LR ILRKKPSDTA
KPAAPGGGRA AQLKLSSCPS GRQPASLLDV RSVPGLDGSG WEVFDIWKLF
RNFKNSAQLC LELEAWERGR AVDLRGLGFD RAARQVHEKA LFLVFGRTKK
RDLFFNEIKA RSGQDDKTVY EYLFSQRRKR RAPLATRQ GK RPSKNLKARC
SRKALHVNFK DMGWDDWIIA PLEYEAFHCE GLCEFPLRSH LEPTNHAVIQ
TLMNSMDPES TPPTCCVPTR LSPISILFID SANNVVYKQY EDMVVESCGC R

PATENTANSPRÜCHE

1. DNA-Molekül, das für ein Protein der TGF- β -Familie codiert und
 - (a) den für das reife Protein codierenden Anteil und gegebenenfalls weitere funktionelle Anteile der in SEQ ID NO. 1 gezeigten Nukleotidsequenz,
 - (b) eine der Sequenz aus (a) im Rahmen der Degeneration des genetischen Codes entsprechende Nukleotidsequenz,
 - (c) einem allelischen Derivat einer der Sequenzen aus (a) und (b) entsprechende Nukleotidsequenz, oder
 - (d) eine mit einer der Sequenzen aus (a), (b) oder (c) hybridisierende Nukleotidsequenz umfaßtunter der Voraussetzung, daß ein DNA-Molekül gemäß (d) zumindest den für ein reifes Protein der TGF- β -Familie codierenden Anteil vollständig enthält.
2. Vektor,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß er mindestens eine Kopie eines DNA-Moleküls nach Anspruch 1 enthält.
3. Wirtszelle,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß sie mit einer DNA nach Anspruch 1 oder einem Vektor nach Anspruch 2 transformiert ist.
4. Wirtszelle nach Anspruch 3,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß sie ein Bakterium, ein Pilz, eine pflanzliche oder eine tierische Zelle ist.
5. Protein der TGF- β -Familie, das von einer DNA-Sequenz nach Anspruch 1 codiert wird.

6. Protein nach Anspruch 5,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß es die in SEQ ID NO. 2 gezeigte Aminosäuresequenz
oder gegebenenfalls funktionelle Anteile davon aufweist.
7. Verfahren zur Herstellung eines Proteins der TGF- β -Fami-
lie,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß man eine Wirtszelle nach Anspruch 3 oder 4 kultu-
viert und das TGF- β -Protein aus der Zelle oder/und dem
Kulturüberstand gewinnt.
8. Pharmazeutische Zusammensetzung,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß sie mindestens ein Protein nach Anspruch 5 oder 6
als Wirkstoff gegebenenfalls zusammen mit pharmazeutisch

üblichen Träger-, Hilfs-, Verdünnungs- oder Füllstoffen
enthält.
9. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8 zur
Behandlung oder Prävention von Knochen-, Knorpel-, Bin-
degewebs-, Haut-, Schleimhaut-, Epithelial- oder Zahn-
schädigungen, zur Anwendung bei Zahnimplantaten und zur
Anwendung in Wundheilungs- und Gewebewiederherstellungs-
prozessen.
10. Antikörper oder Antikörperfragmente,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,
daß sie an ein Protein nach Anspruch 5 oder 6 binden.

1/6

Fig. 1

		10	20	30	40	50	
MP	52	CSRKALHVN	KDMGWDDWII	APLEYEAFHC	EGLCEFLRS	HLEPTNHAIV	
BMP	2	CKRHPLYVDF	SDVGWNDWIV	APPGYHAFYC	HGECPFPLAD	HLNSTNHAIV	
BMP	4	CRRHSLYVDF	SDVGWNDWIV	APPGYQAFYC	HGDCPFPLAD	HLNSTNHAIV	
BMP	5	CKKHELYVSF	ROLGWQDWII	APEGYAAFYC	DGECSEPLNA	HMNATNHAIV	
BMP	6	CRKHELYVSF	QDLGWQDWII	APKGYAANYC	DGECSEPLNA	HMNATNHAIV	
BMP	7	CKKHELYVSF	ROLGWQDWII	APEGYAAYYC	EGECAFLNS	YMNATNHAIV	
		* + * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * *	
		60	70	80	90	100	
MP	52	QTLNMSDPE	STPPTCCVPT	RLSPISILFI	DSANNVVYKQ	YEDMVVESCG	CR
BMP	2	QTLVNSVNS-	KIPKACCVPT	ELSAISMLYL	DENEKVVLKN	YQDMVVEGCG	CR
BMP	4	QTLVNSVNS-	SIPKACCVPT	ELSAISMLYL	DEYDKVVLKN	YQEMVVEGCG	CR
BMP	5	QTLVHLMFPD	HVPKPCCAPT	KLNAISVLYF	DDSSNVILKK	YRNMVVRSCG	CH
BMP	6	QTLVHLMNPE	YVPKPCCAPT	KLNAISVLYF	DDNSNVILKK	YRNMVVRACG	CH
BMP	7	QTLVHFINPE	TVPKPCCAPT	QLNAISVLYF	DDSSNVILKK	YRNMVVRACG	CH
		* * * + + +	+ * * * * *	* * * * *	* * * * *	* * * * * *	* *

2/6

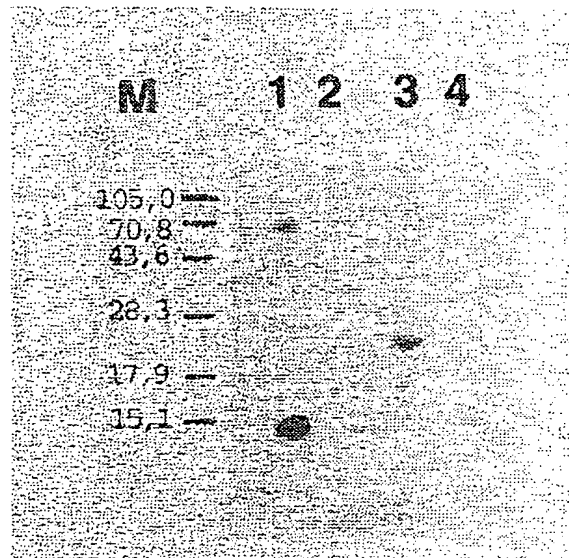
Figur 2a

	Eco RI Nco I
OD	ATGAATTCCCATGGACCTGGGCTGGMAKGAMTGGAT
BMP 2	ACGTGGGGTGGGAATGACTGGAT
BMP 3	ATATTGGCTGGAGTGAATGGAT
BMP 4	ATGTGGGCTGGAATGACTGGAT
BMP 7	ACCTGGGCTGGCAGGACTGGAT
TGF- β 1	AGGACCTCGGCTGGAAGTGGAT
TGF- β 2	GGGATCTAGGGTGGAAATGGAT
TGF- β 3	AGGATCTGGGCTGGAAGTGGGT
Inhibin α	AGCTGGGCTGGGAACGGTGGAT
Inhibin β_A	ACATCGGCTGGAATGACTGGAT
Inhibin β_B	TCATCGGCTGGAACGACTGGAT

Figur 2b

	Eco RI
OID	ATGAATTGAGCTGCGTSGGSRGACAGCA
BMP 2	GAGTTCTGTGCGGACACAGCA
BMP 3	CATCTTTTCTGGTACACAGCA
BMP 4	CAGTTCAGTGGGCACACAACA
BMP 7	GAGCTGCGTGGGCGCACAGCA
TGF- β 1	CAGCGCCTGCGGCAAGCAGCA
TGF- β 2	TAAATCTTGGGACACGCAGCA
TGF- β 3	CAGGTCCTGGGGCAAGCAGCA
Inhibin α	CCCTGGGAGAGCAGCACAGCA
Inhibin β_A	CAGCTTGGTGGGCACACAGCA
Inhibin β_B	CAGCTTGGTGGGAATGCAGCA

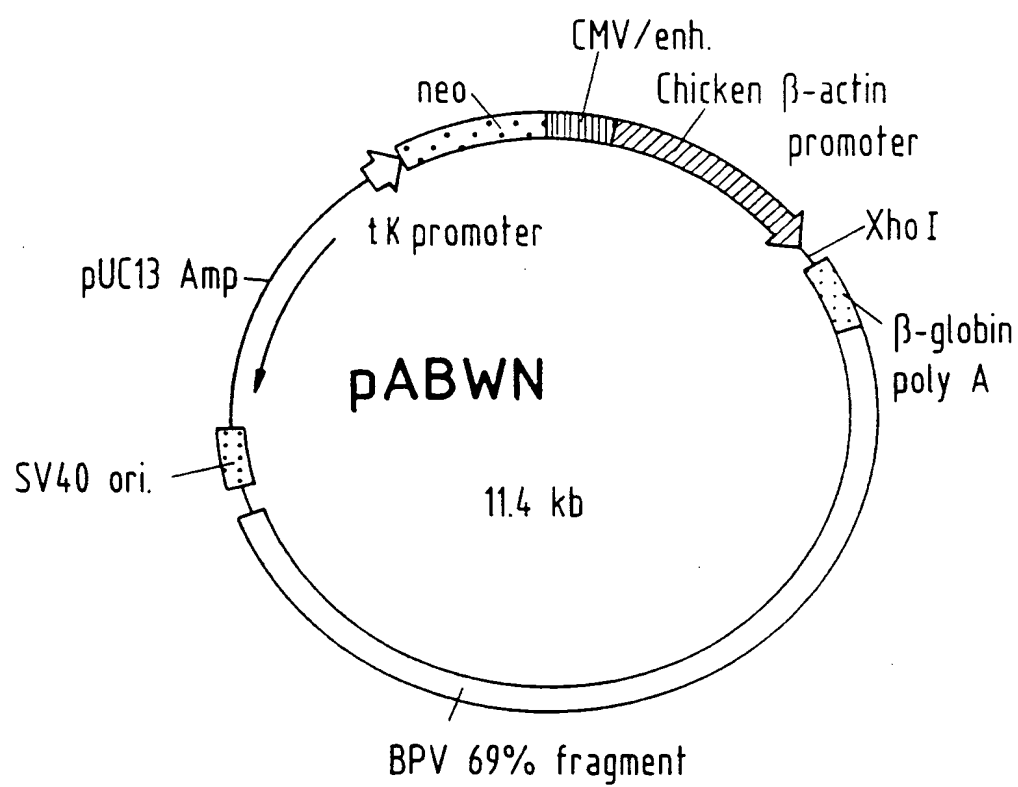
Fig. 3



M: vorgefärbter Protein-Molekulargewichtsmarker mit den angegebenen
apparenten Molekulargewichten (Gibco BRL # 26041-020)

- 1: Zellkulturüberstand (100 µl) nach Infektion mit rekombinanten Viren
(mit inserierter MP52 cDNA) unter reduzierenden (1% β -Mercapto-
ethanol) Bedingungen
- 2: Zellkulturüberstand (100 µl) nach Infektion mit Wildtyp Viren (ohne
insetierte Fremd-DNA) unter reduzierenden (1% β -Mercaptoethanol)
Bedingungen
- 3: Zellkulturüberstand (500 µl) nach Infektion mit rekombinanten Viren
(mit inserierter MP52 cDNA) unter nicht reduzierenden Bedingungen
- 4: Zellkulturüberstand (500 µl) nach Infektion mit Wildtyp Viren (ohne
insetierte Fremd-DNA) unter nicht reduzierenden Bedingungen

Fig. 4



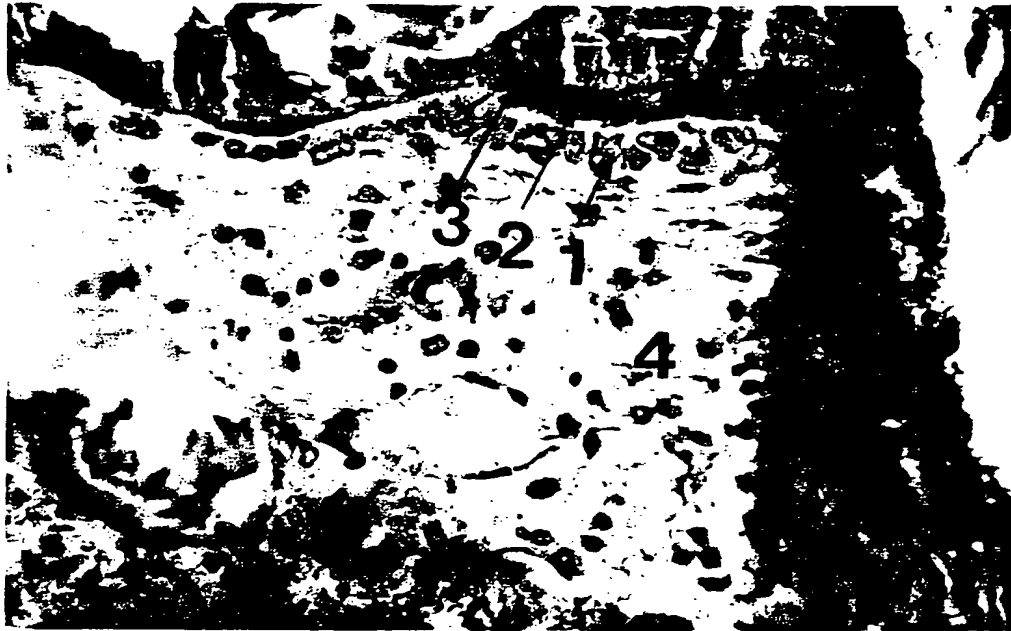
5/6

Fig. 5



Schnitt durch das Gesamtimplantat (26 Tage nach Implantation) angefärbt nach von Kossa. Mineralisiertes Gewebe hebt sich deutlich schwarz vom umgebenden Muskelgewebe ab.

Fig. 6



Ausschnitt aus dem Implantat (26 Tage nach Implantation)
angefärbt nach Masson - Goldner.

1: Saum aus Osteoblasten (rosa im Original)

2: Osteoid (rot im Original)

3: Mineralisiertes Knochengewebe (grün im Original)
mit Osteocyten (rosa im Original)

4: Knochenmark (hell rosa bis orange im Original)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 94/02630

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/51 C07K14/495 A61K38/18 C07K16/22

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	WO,A,93 16099 (BIOPHARM GESELLSCHAFT ZUR BIOTECHNOLOGISCHEN ENTWICKLUNG VON PHARMAKA) 19 August 1993 see the whole document ---	1-10
X	WO,A,90 11366 (GENETICS INSTITUTE) 4 October 1990 see page 50 - page 83 ---	1-5
X	WO,A,91 05802 (CREATIVE BIOMOLECULES, INC.) 2 May 1991 see the whole document -----	1-5

☐ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

22 November 1994

Date of mailing of the international search report

02.12.1994

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+ 31-70) 340-3016

Authorized officer

Cupido, M

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/EP 94/02630

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☒ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

Remark: Although Claim 9 is related to a method for treatment of the human or animal body, the search has been carried out and based on the alleged effects of the composition.
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

Original Application No

PCT/EP 94/02630

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO-A-9316099	19-08-93	AU-B- 3497193 CA-A- 2129820	03-09-93 19-08-93
WO-A-9011366	04-10-90	US-A- 5106748 US-A- 5141905 AU-A- 5357790 CA-A- 2030518 EP-A- 0429570 JP-T- 3505098 US-A- 5187076	21-04-92 25-08-92 22-10-90 29-09-90 05-06-91 07-11-91 16-02-93
WO-A-9105802	02-05-91	US-A- 5171574 AU-B- 648997 AU-A- 6648190 CA-A- 2042577 EP-A- 0448704 JP-T- 4502336 US-A- 5266683 US-A- 5344654 US-A- 5354557 CA-A- 2027259	15-12-92 12-05-94 16-05-91 18-04-91 02-10-91 23-04-92 30-11-93 06-09-94 11-10-94 18-04-91

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
 IPK 6 C12N15/12 C07K14/51 C07K14/495 A61K38/18 C07K16/22

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P, X	WO, A, 93 16099 (BIOPHARM GESELLSCHAFT ZUR BIOTECHNOLOGISCHEN ENTWICKLUNG VON PHARMAKA) 19. August 1993 siehe das ganze Dokument ---	1-10
X	WO, A, 90 11366 (GENETICS INSTITUTE) 4. Oktober 1990 siehe Seite 50 - Seite 83 ---	1-5
X	WO, A, 91 05802 (CREATIVE BIOMOLECULES, INC.) 2. Mai 1991 siehe das ganze Dokument -----	1-5

☐ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

* "A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

* "E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

* "L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

* "O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

* "P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

* "T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

* "X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden

* "Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung, die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

* "&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

22. November 1994

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

02-12-1994

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
 Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
 NL - 2280 HV Rijswijk
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
 Fax (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Cupido, M

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 1 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☒ Ansprüche Nr.
weil Sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
Bemerkung : Obwohl Anspruch 9 sich auf ein Verfahren zur Behandlung des menschlichen Körpers bezieht, wurde die Recherche durchgeführt und gründete sich auf die angeführten Wirkungen der Zusammensetzung.
2. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche der internationalen Anmeldung.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Internationale Recherchenbehörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche der internationalen Anmeldung, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Gebühren erfolgte ohne Widerspruch.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 94/02630

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO-A-9316099	19-08-93	AU-B- 3497193 CA-A- 2129820	03-09-93 19-08-93
WO-A-9011366	04-10-90	US-A- 5106748 US-A- 5141905 AU-A- 5357790 CA-A- 2030518 EP-A- 0429570 JP-T- 3505098 US-A- 5187076	21-04-92 25-08-92 22-10-90 29-09-90 05-06-91 07-11-91 16-02-93
WO-A-9105802	02-05-91	US-A- 5171574 AU-B- 648997 AU-A- 6648190 CA-A- 2042577 EP-A- 0448704 JP-T- 4502336 US-A- 5266683 US-A- 5344654 US-A- 5354557 CA-A- 2027259	15-12-92 12-05-94 16-05-91 18-04-91 02-10-91 23-04-92 30-11-93 06-09-94 11-10-94 18-04-91